

Frédéric Fabre, Josselin Montarry, Jérôme Coville, Rachid Senoussi, Vincent Simon & Benoît Moury

Modelling the Evolutionary Dynamics of Viruses Within their Hosts: a Case Study using High-throughput Sequencing

Uncovering how natural selection and genetic drift shape the evolutionary dynamics of viral populations within their hosts can pave the way to a better understanding of virus emergence. Mathematical models already play a leading role in these studies and are appealed to predict future emergences. We analyzed using high-throughput sequencing the within-host population dynamics of four Potato virus Y (PVY) variants differing only by one or two substitutions that are involved in their pathogenicity properties. Model selection was used to compare the experimental results to several hypotheses regarding the competitiveness and the intensity of genetic drift experienced by viruses during the colonization of host plants. Regarding virus selection, results indicated that the frequencies of variants are well described using Lotka-Volterra models where the competition coefficients β_{ij} exerted by variant j on variant i are equal to the ratio of their fitness, r_i/r_j . Statistical inference provided estimation of the fitness effect of each mutation, revealing slight ($s=-0.45\%$) and intermediate ($s=-13.2\%$) fitness costs and a negative epistasis between them. Regarding genetic drift, results indicated that only 1 to 4 infectious units initiated the population of one apical leaf. The between-host variances of the frequencies of the variants were appropriately described using Dirichlet-multinomial distributions, which scale parameters are closely related to the fixation index F_{ST} , and vary with time. In particular, the genetic differentiation of virus populations among plants increased from 0 to 10 days post-inoculation (dpi) and then decreased until 35 dpi. Additional simulations revealed how this pattern of differentiation interacts with epidemiological processes to impact emergence risks. Overall, this study shows that simple mathematical models can accurately describe the selection and genetic drift shaping the evolutionary dynamics of viruses within their hosts.

INRA, UR407 Pathologie Végétale, F-84143 Montfavet, France

frederic.fabre@avignon.inra.fr

Mbolariosy Rakotomalala, Agnès Pinel-Galzi, Anatolia Mpunami, Albert Randrianasolo, Perle Ramavovololona, Yvonne Rabenantoandro & **Denis Fargette**

Le virus de la panachure jaune du riz à Madagascar et dans l'archipel de Zanzibar ; de l'intérêt des systèmes insulaires dans l'étude de l'émergence des virus

Madagascar, d'une surface de 580 000 km², situé à plus de 400 km des côtes du continent africain dans l'océan indien, est un pays de longue tradition rizicole. Le riz y est cultivé dans des agro-écosystèmes très diversifiés. Le virus de la panachure jaune du riz (en Anglais, Rice yellow mottle

virus, acronyme RYMV) a été détecté pour la première fois en 1989. Il constitue maintenant la principale contrainte biotique du riz à Madagascar. Des enquêtes épidémiologiques conduites jusqu'à nos jours ont permis de suivre la progression de la maladie. Parallèlement, un total de 80 isolats a été prélevé au cours du temps et dans la plupart des régions du pays. Le gène de la protéine de capsid (720 nt) a été séquencé. Des études phylogénétiques et phylogéographiques ont été menées afin d'estimer le nombre, la date et le lieu d'introduction du RYMV à Madagascar ainsi que sa progression spatio-temporelle au travers du pays. La confrontation des données épidémiologiques de terrain et des analyses d'épidémiologie moléculaire permet de mieux comprendre le mode d'émergence du RYMV, non seulement à Madagascar mais aussi sur l'ensemble du continent africain.

IRD, UMR RPB, BP 6450, 34394 Montpellier cedex 5, France

denis.fargette@ird.fr

Denis Filloux

Découverte et analyse de séquences de type Geminiviridae intégrées au génome des Dioscoreaceae : une aide pour la phylogénie ?

Des séquences virales de type Geminiviridae intégrées au génome de quatre espèces d'ignames asiatiques (*Dioscorea* spp. section *Enantiophyllum*) ont récemment été découvertes par deux méthodes indépendantes : recherche sans a priori de virus par approche métagénomique, et recherche in silico dans les banques de séquences EST. La caractérisation de ces séquences par Long-PCR et Inverse-PCR, a permis de mettre en évidence des génomes viraux incomplets présentant une forte homologie avec des begomovirus. Des gènes codant pour des protéines de réplication (Rep) et des activateurs de réplication (REn), ainsi que des régions intergéniques (IR) ont été identifiés, mais aucun gène de CP n'a été trouvé. Un fragment de 3086 pb comprenant notamment 2 Rep partielles a été obtenu suggérant la disposition en concaténaire de copies de génomes viraux. Des analyses FISH sur plaques métaphasiques ont confirmé l'intégration de séquences virales chez deux espèces (*D. alata* et *D. nummularia*) et révélé un unique locus d'intégration. La recherche de telles séquences chez d'autres espèces d'ignames est envisagée pour clarifier la phylogénie des *Enantiophyllum* et retracer l'histoire évolutive des begomovirus.

CIRAD-BIOS, UMR BGPI, TA A-54 / K, Campus International de Baillarguet, 34398 Montpellier Cedex 5, France

denis.filloux@cirad.fr